



Predição do modelo computacional metabólico da bactéria *Brucella suis* causadora da brucelose suína

Filipe Vilaça Guimarães de Oliveira (filipe.gimaraes@ufv.br)¹, Tiago Antônio de Oliveira Mendes (tiagoamendes@ufv.br)¹, Bruno Ribeiro Pinto (bruno.r.ribeiro@ufv.br)¹.

¹: Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular – Universidade Federal de Viçosa.

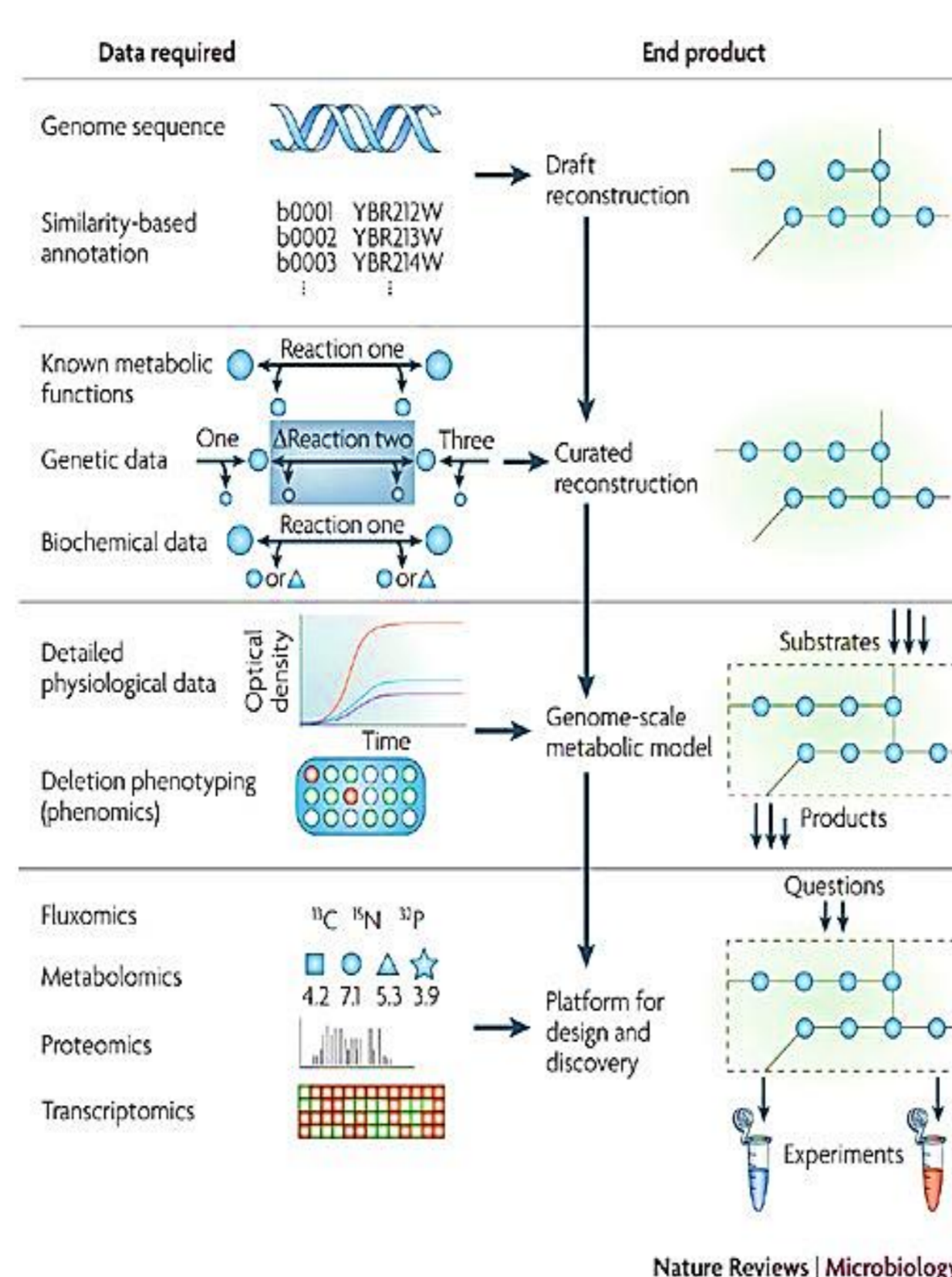
Área do Conhecimento: Ciências Biológicas e da Saúde. Área Temática: Bioinformática – Biologia de Sistemas

Modalidade do Trabalho: Pesquisa.

Palavras-chave: Modelo metabólico computacional, Brucelose suína, Biologia de sistemas.

Introdução

As bactérias do gênero *Brucella* são conhecidas por infectar diversos animais de interesse agropecuário, podendo ser transmitidas para humanos. Dentre as espécies, a *Brucella suis* é conhecida por causar brucelose em porcos, ocasionando infertilidade, paralisa dos membros inferiores, abortos e até levando ao óbito do animal. Infelizmente, não há tratamento para brucelose suína e o porco contaminado precisa ser eutanasiado. Sendo assim, faz-se necessário o estudo desse patógeno para elucidar seu funcionamento e buscar formas de tratamento e prevenção eficazes. Uma forma para isso é a produção de Modelos Computacionais Metabólicos. Tais modelos são arquivos matemáticos contendo as vias metabólicas realizadas em um determinado sistema biológico, além de possuir informações sobre as enzimas, os metabólitos e detalhes sobre espontaneidade e localização de cada reação.



Esquema resumido da predição de um modelo metabólico¹

Objetivos

Produzir um modelo computacional metabólico de *Brucella suis* para estudo integrativo e comparativo com as bactérias do mesmo gênero, como *B. abortus* e *B. melitensis*.

Material e Métodos

A metodologia utilizada segue os seguintes tópicos:

- Obtenção do genoma do NCBI;
- Montagem do arquivo de Draft por reconstrução automática;
- Curadoria manual do Draft utilizando bancos de dados;
- Conversão do arquivo excel para modelo matemático SBML;
- Simulação de fluxos metabólicas pelo COBRApy, tendo a equação de biomassa como função objetivo;
- Realização do Flow Balance Analysis (FBA) ajustado para otimizar a função objetivo;
- Modelo Final de fluxo metabólico.

Resultados e Discussão

O modelo metabólico de *Brucella suis* está em construção, encontra-se na etapa de curadoria manual dos E.C. numbers e subsystems. A atual versão do modelo contém 986 genes, 2029 reações e 1408 metabólitos. Os resultados de fluxo metabólico virão com as próximas etapas.

Conclusões

A construção de tal modelo é relevante para realizar predições *in silico* do comportamento de *Brucella suis*, podendo servir como guia para desenvolvimento de organismos geneticamente modificados ou fármacos.

Bibliografia

¹ PALSSON, B. O. et al. Reconstruction of biochemical networks in microorganisms. *Nature Reviews Microbiology*. Vol. 7, pag 129-143. February, 2009.

Apoio Financeiro